

САНКТ-ПЕТЕРБУРГСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
КАФЕДРА МАТЕМАТИЧЕСКОЙ ТЕОРИИ ИГР И СТАТИСТИЧЕСКИХ
РЕШЕНИЙ

Сковородина Татьяна Валерьевна

Выпускная квалификационная работа бакалавра

Моделирования эпидемических процессов с учетом
структуры популяции

Направление 010400.62

Прикладная математика и информатика

Научный руководитель,
кандидат физ.-мат. наук,
доцент
Губар Е. А.

Санкт-Петербург
2017

Содержание

Введение	3
Цели и задачи	5
Глава 1. Виды эпидемических моделей	6
1.1 SIR модель	6
1.2 SIS модель	7
1.3 Точная SIS модель	8
1.4 Модель NIMFA	14
Глава 2. Численное моделирование	15
2.1 Описание эпидемической модели на структуре сети	15
2.2 Процедура моделирования модели NIMFA	16
Глава 3. Эксперименты	18
3.1 Первая серия экспериментов	18
3.2 Вторая серия экспериментов	22
3.1 Третья серия экспериментов	24
Заключение	27
Список литературы	28
Приложения	30
Приложение 1. Код скрипта и процедур для численного моделирования	30
Приложение 2. Некоторые эксперименты первой серии	34

Введение

На протяжении всей истории человечества люди сталкивались с различными видами инфекционных заболеваний, которые, по статистическим данным, унесли больше человеческих жизней, чем войны. В связи с этим необходимо было начать изучать эпидемические процессы. Для их изучения используется математическое моделирование. С его помощью можно создавать эпидемические модели — упрощенный способ описания передачи инфекционных заболеваний через отдельных лиц. Эти модели помогают исследовать процессы распространения вирусных заболеваний, выявлять их тенденции к дальнейшему развитию, искать решения предотвращения эпидемий в будущем.

До сих пор вопросы, связанные с изучением эпидемических процессов, остаются актуальными. Это можно объяснить несколькими факторами. Во-первых, у вирусов, вызывающих инфекционные заболевания, возникают новые мутации [1]. В ходе мутации они могут менять свои свойства. Это довольно сильно осложняет борьбу с вирусными заболеваниями, так как на проведенные вакцинации или на принятые противовирусные препараты человеком, вирусы не будут реагировать должным образом. Во-вторых, появляются новые вирусы, которые могут стать возбудителями болезней, которые еще не изучены. В-третьих, классические модели, описывающие распространение инфекционного заболевания, могут использоваться вне эпидемиологии. Например, для изучения распространения информации в обществе, в задачах сетевой безопасности, а также в исследованиях вирусного маркетинга.

W. O. Kermack и A. G. McKendrick оказали большое влияние на развитие эпидемиологии. В своей работе [2] в 1927 году они впервые ввели модель SIR (susceptible-infected-recovered), описывающую распространение инфекционных заболеваний в популяции. Эта модель является основой для задач моделирования эпидемий. В настоящий момент можно встретить работы, основанные как на этой модели, так и на различных её модификациях.

С развитием технологий и появлением компьютеров начали создаваться компьютерные вирусы. Для борьбы с ними еще в прошлом столетии начали применяться методы эпидемического моделирования. В своих рабо-

тах [3–5] J. O. Kephart, and S. R. White исследуют поведение компьютерных вирусов, описываемое SIS (susceptible-infected-susceptible) и другими эпидемическими моделями, а также ищут методы предотвращения компьютерных эпидемий.

W. Goffman и V. A. Newill в статье "Generalization of epidemic theory an application to the transmission of ideas" [6] рассматривают распространение идеи в обществе с точки зрения эпидемического процесса. A. L. Hill, D. G. Rand, M. A. Nowak, N. A. Christakis провели интересное исследование, посвященное изучению распространения положительных и отрицательных эмоций у людей посредством социальных сетей. В статье "Emotions as infectious diseases in a large social network: the SISa model" [7] приводятся результаты этого исследования. Для такого процесса на основе модели SIS была получена модель SISa, которая отражает специфику изучаемой задачи и может точнее отразить процесс распространения эмоций человека в сети. С помощью добавления новой стадии развития эпидемии к классической модели задается процесс спонтанной смены настроения у человека, который не зависит от контактов рассматриваемого индивида.

Исследовательская группа P. Van Mieghem, J. Omic, R. Kooij в статье "Virus Spread in Networks" [8] представили результаты изучения распространения эпидемии с помощью модели N-Interwined mean-field approximation (NIMFA), заданной на сети. В работе "Complete game-theoretic characterization of SIS epidemics protection strategies" [9] P. Van Mieghem, Y. Hayel, S. Trajanovski, E. Altman, H. Wang используют эту же модель для анализа процесса распространения вируса в полной сети. В этой статье формулируется задача о поиске оптимальной стратегии защиты игрока от вредоносного программного обеспечения. Для постановки задачи применяется не только теория эпидемического моделирования, но и теория игр заполнения.

Цели и задачи

В выпускной квалификационной работе в рамках изучения новой технологии описания эпидемического процесса на базе модели NIMFA, учитывающей структуру сети, были поставлены следующие цели и задачи:

- Описание математических моделей, которые задают распространение инфекционных заболеваний;
- Использование сетевой структуры для задания модели распространения эпидемии;
- Разработка программы в пакете MATLAB для проведения численных экспериментов;
- Проведение численных экспериментов, базирующихся на модели NIMFA;
- Анализ полученных результатов и выводы.

Глава 1. Виды эпидемических моделей

1.1 SIR модель

Обычно при моделировании эпидемии популяция делится на группы, которые соответствуют стадиям развития болезни. Можно выделить три классические группы: S (susceptible) – восприимчивые, I (infected) – инфицированные, R (recovered) – иммунные. В различных модификациях могут добавляться новые группы для более точного описания сложных процессов эпидемий. Часто используются SIR, SIS модели. Модель SIR включает в себя три классические группы развития эпидемии. Процесс, соответствующий этой модели, описывается следующим образом:

- $S(t) = \frac{n_S}{N}$ — доля лиц, которые восприимчивы к инфекции, но не заражены в момент времени t ;
- $I(t) = \frac{n_I}{N}$ — доля лиц, которые заражены и способны передать вирус группе $S(t)$;
- $R(t) = \frac{n_R}{N}$ — доля лиц, которые вылечились и получили иммунитет.

Здесь n_S — число восприимчивых лиц, n_I — число инфицированных, n_R — число иммунных.

Система дифференциальных уравнений для этой модели имеет вид:

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\frac{\beta S(t)I(t)}{N}; \quad (1)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \frac{\beta S(t)I(t)}{N} - \gamma I(t); \quad (2)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t); \quad (3)$$

где β — скорость контактов, коэффициент, характеризующий вероятность инфицирования при взаимодействии лиц из группы $S(t)$ с группой $I(t)$, $\frac{1}{\gamma}$ — средний инфекционный период.

Уравнение (1) описывает динамику развития эпидемии той части населения, которая восприимчива к вирусу. Правая часть задает долю лиц, на которую уменьшится группа $S(t)$, при заражении ее инфицированными. Уравнение (2) описывает долевое распределение инфицированных лиц.

Первое слагаемое в этом уравнении показывает то, что восприимчивая доля лиц в группе $S(t)$ была инфицирована и перешла в группу $I(t)$. Второе слагаемое описывает уменьшение группы $I(t)$ за счет того, что кто-то был вылечен и перешел в группу $R(t)$. Уравнение (3) показывает изменение числа иммунной доли лиц популяции. Оно описывает то, что инфицированная доля лиц была вылечена и получила иммунитет.

На рис. 1 изображен описанный эпидемический процесс.

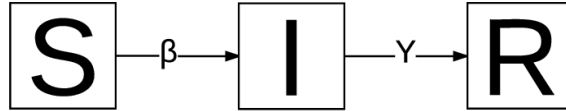


Рис. 1: Схема перехода индивидов модели SIR.

1.2 SIS модель

Модель SIS (susceptible-infected-susceptible) основана на предположении, что лица, которые были инфицированы и вылечились, не приобрели иммунитет. В этом случае они возвращаются в первую группу восприимчивых.

Эта модель задается уравнениями:

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\frac{\beta S(t)I(t)}{N} + \gamma I(t); \quad (4)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \frac{\beta S(t)I(t)}{N} - \gamma I(t). \quad (5)$$

В уравнении (4) описывается переход доли лиц, которые были инфицированы, из группы $S(t)$ в группу $I(t)$. Уравнение (5) описывает переход доли лиц из группы $I(t)$ снова в $S(t)$, т.е. лиц, которые были инфицированы, вылечились и не получили иммунитет. Данный процесс представлен на рис. 2.

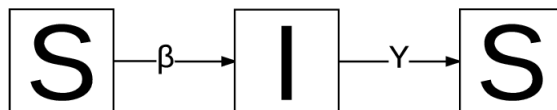


Рис. 2: Схема перехода индивидов модели SIS.

Для описания некоторых инфекционных заболеваний необходимо рассматривать еще одну группу, описывающую долю умерших индивидов. Как

правило, эта группа обозначается буквой D (death). Например, к уже описанной модели SIR добавим группу D и получим модель SIRD. На рис. 3 приведена схема новой модели.

SIRD модель отличается от классической SIR тем, что инфицированные индивиды могут вылечиться и получить иммунитет с вероятностью γ или могут умереть с вероятностью μ .

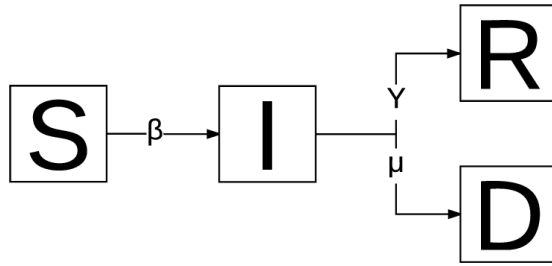


Рис. 3: Схема перехода индивидов модели SIRD.

1.3 Точная SIS модель

Большинство эпидемических моделей, в том числе и приведенные выше, предназначены для описания развития эпидемии в смешанной популяции. Другими словами, эпидемический процесс, который они описывают, может произойти с любым индивидом из рассматриваемой популяции с равной вероятностью. Поэтому, применяемые модели не всегда соответствуют реальным процессам. Вследствие чего актуально создание новых и модификация старых моделей, которые больше приближены к действительности за счет того, что позволяют учитывать структуру сети. Благодаря этому свойству, в последнее время именно им отдается большее предпочтение. Анализ таких моделей дает много интересных результатов, основанных на изучении числа связей для каждого индивида в отдельности и в системе в целом. Примером такой модели служит точная SIS модель (exact SIS model) [8, 10]. Эта модель является модификацией классической SIS модели и описывает эпидемический процесс, в котором применяется теория марковских процессов. Рассмотрим такое задание эпидемии подробнее.

Процесс распространения вируса может описываться с помощью графа, где узлы будут обозначать людей, а ребра - их контакты. Для этого зададим неориентированный граф G_N с N вершинами, который описывается симметричной матрицей смежности A . Матрица A является бинарной

матрицей, с элементами a_{ij} . Если узел i связан с узлом j , то $a_{ij} = a_{ji} = 1$, иначе $a_{ij} = 0$.

Каждый узел i в момент времени t может находиться в одном из двух состояний. Если узел i заражен в момент времени t , тогда будем его считать инфицированным и способным передавать инфекцию соседним узлам. Это состояние будем задавать так $X_i(t) = 1$. Если же узел i в момент времени t является здоровым, то $X_i(t) = 0$. В привычном задании модели эпидемии $X_i(t) = 1 - I$, $X_i(t) = 0 - S$. Множество состояний для каждого узла i имеет вид: $X_i \in (0, 1)$. Зараженные узлы могут инфицировать своих соседей в графе G_N с вероятностью β , а также могут восстанавливаться с вероятностью δ . На рис. 4 продемонстрирован описываемый процесс.

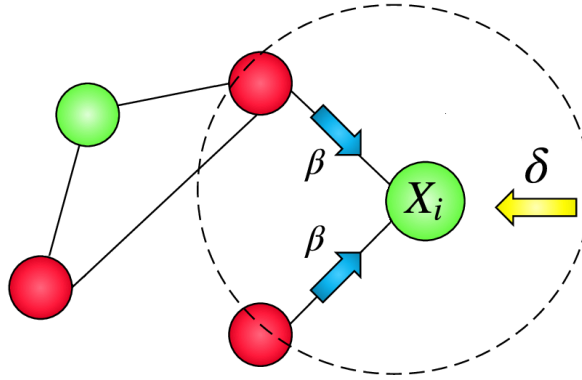


Рис. 4: Схема точной модели SIS.

На рис. 4 красным обозначены инфицированные узлы, зеленым – здоровые. Рассматривается узел i , у которого $X_i(t) = 0$. На этот узел оказывают влияние два инфицированных соседа, с вероятностью инфицирования β каждый (воздействие показано синими стрелками). Узел i способен восстанавливаться после инфицирования с вероятностью δ .

Описанный процесс представляет собой цепь Маркова [11], в которой всего 2^N состояний.

Определение 1. Непрерывной цепью Маркова $\{X(t), t \geq 0\}$ называют процесс, для которого выполняется:

$$\begin{aligned} P[X(t + \tau) = j | X(\tau) = i, X(u) = x(u), 0 \leq u < \tau] = \\ = P[X(t + \tau) = j | X(\tau) = i]. \end{aligned} \quad (6)$$

Этот процесс, как и любой марковский, представим в виде графа состояний, вершинами которого являются возможные состояния системы.

Рассмотрим для примера систему, в которой число узлов $N = 3$, множество состояний для каждого узла имеет вид $X_i \in (0, 1)$. Всего в данной марковской цепи $2^N = 8$ состояний. Все возможные состояния приведены в таблице. Граф состояний изображен на рис. 5.

Номер состояния	X_1 X_2 X_3
1	000
2	001
3	010
4	011
5	100
6	101
7	110
8	111

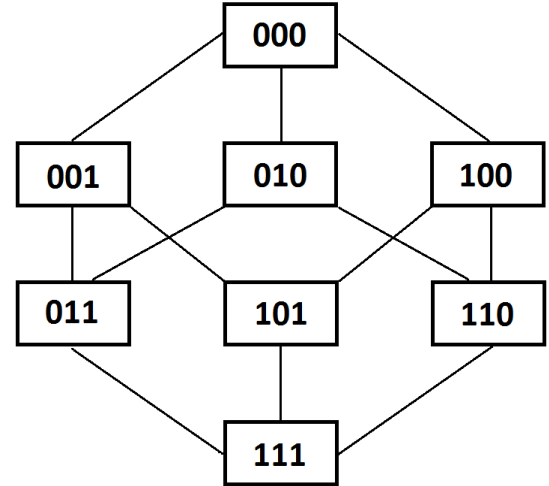


Рис. 5: Граф состояний системы.

Определение 2. Поток событий — это последовательность событий, происходящих одно за другим в случайные моменты времени.

Определение 3. Интенсивность потока событий — среднее число событий в единицу времени.

В системе каждый узел i переходит из одного состояния в другое под действием потока событий. Это значит, что если узел i находится, например, в состоянии $X_i(t) = 0$ в момент времени t , то под действием потока событий за малый промежуток времени $t' = t + \Delta t$ он перейдет в состояние, например, $X_i(t') = 1$. Всего возможно 4 перехода (см. рис.6):

- 1) из состояния $X_i(t) = 0$ в состояние $X_i(t') = 1$;
- 2) из состояния $X_i(t) = 1$ в состояние $X_i(t') = 1$;
- 3) из состояния $X_i(t) = 1$ в состояние $X_i(t') = 0$;
- 4) из состояния $X_i(t) = 0$ в состояние $X_i(t') = 0$.

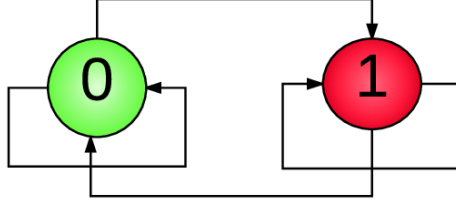


Рис. 6: Схема переходов состояний узла i .

Поток событий, переводящий узел из одного состояния в другое, характеризуется интенсивностью. Для каждого узла i в системе можно записать матрицу интенсивностей:

$$Q_i(t) = \begin{bmatrix} -q_{0,m} & q_{0,m} \\ q_{1,m} & -q_{1,m} \end{bmatrix},$$

где элементы матрицы $Q_i(t)$ характеризуют интенсивность всех потоков событий для узла i , которые являются причиной смены его состояний.

Зададим элементы матрицы интенсивностей $Q_i(t)$, при этом будем учитывать все введенные выше условия в рамках рассматриваемой задачи распространения эпидемии:

$$q_{0,m} = \beta \sum_{j=1}^N a_{ij} I_j; \quad (7)$$

$$q_{1,m} = \delta, \quad (8)$$

где I_j является индикаторной функцией и определяется:

$$I_j = \begin{cases} 1, & \text{если } X_j(t) = 1 \text{ — узел } j \text{ инфицирован,} \\ 0, & \text{иначе.} \end{cases} \quad (9)$$

Зададим вероятности каждого из четырех возможных вариантов перехода узла. Учитывая состояние $X_i(t)$ в некоторый момент времени t вероятность состояния $X_i(t')$ в момент времени $t' = t + \Delta t$ будет равна [12]:

$$P[X_i(t') = 0 | X_i(t) = 1] = \delta\Delta t + o(\Delta t); \quad (10)$$

$$P[X_i(t') = 1 | X_i(t) = 1] = 1 - \delta\Delta t + o(\Delta t); \quad (11)$$

$$P[X_i(t') = 1 | X_i(t) = 0] = \beta \sum_{j=1}^N a_{ij} I_j \Delta t + o(\Delta t); \quad (12)$$

$$P[X_i(t') = 0 | X_i(t) = 0] = 1 - \beta \sum_{j=1}^N a_{ij} I_j \Delta t + o(\Delta t). \quad (13)$$

Рассмотрим одно из уравнений (10)-(13), например (12). Оно задает вероятность того, что в момент времени t узел i находится в состоянии $X_i(t) = 0$, а за промежуток времени Δt он перешел в состояние $X_i(t') = 1$ под действием потока событий с интенсивностью $\beta \sum_{j=1}^N a_{ij} I_j$.

В задачах о поиске вероятностей состояний, в которых может находиться система, используются дифференциальные уравнения — уравнения Колмогорова [13]. Запишем их для поиска вероятности события $X_i(t') = 1$. Это событие может произойти двумя способами:

- 1) В момент времени t система находилась в состоянии $X_i(t) = 1$ и за время Δt не вышла из него;
- 2) В момент времени t система находилась в состоянии $X_i(t) = 0$ и за время Δt перешла в состояние $X_i(t') = 1$.

Вероятность события $X_i(t') = 1$ будет равна сумме двух этих событий:

$$P[X_i(t') = 1] = P[X_i(t) = 1] (1 - \delta\Delta t) + [1 - P[X_i(t) = 1]] \Delta t \left(\beta \sum_{j=1}^N a_{ij} P[X_j(t) = 1] \right), \quad (14)$$

где первое произведение описывает то, что в момент времени t узел i инфицирован и за время Δt рассматриваемый узел остался в этом состоянии, а второе произведение характеризует то, что в момент времени t узел i восприимчив, но за время Δt он станет инфицированным под действием потока событий.

Раскроем скобки в уравнении (14), приведем подобные слагаемые и разделим обе части на Δt . Тогда при $\Delta t \rightarrow 0$ запишем дифференциальное

уравнение Колмогорова:

$$\frac{dP[X_i(t') = 1]}{dt} = -\delta P[X_i(t) = 1] + (1 - P[X_i(t) = 1])\beta \sum_{j=1}^N a_{ij} P[X_j(t) = 1]. \quad (15)$$

Случайная величина X_i , заданная определенным образом в параграфе 1.3, имеет распределение Бернулли [14]. Поэтому, используя свойство $P[X_i = 1] = E[X_i]$ уравнение (15) примет вид:

$$\begin{aligned} \frac{dE[X_i(t) = 1]}{dt} &= E \left[-\delta[X_i(t) = 1] + (1 - [X_i(t) = 1])\beta \sum_{j=1}^N a_{ij} [X_j(t) = 1] \right] = \\ &= -\delta E[X_i(t) = 1] + (1 - E[X_i(t) = 1])\beta \sum_{j=1}^N a_{ij} E[X_j(t) = 1]. \end{aligned} \quad (16)$$

Уравнение (16) является главным уравнением точной модели SIS.

1.4 Модель NIMFA

Уравнением точной модели SIS воспользоваться довольно сложно для поиска вероятности инфицирования узла. Это связано с тем, что для решения дифференциального уравнения (16) необходимо знать совместное распределение вероятности $P[X_i(t) = 1, X_j(t) = 1]$, так как в правой части этого уравнения встречается $E[X_i(t)X_j(t)]$. Для решения этой проблемы применяются методы аппроксимации. Например, модель NIMFA (N-Interwined Mean-Field) [15], которая использует следующее допущение:

$$E[X_i(t)X_j(t)] = E[X_i(t)]E[X_j(t)], \quad \text{для всех } i \neq j. \quad (17)$$

Другими словами предполагается, что события $X_i(t)$ и $X_j(t)$ независимы.

Введем обозначение $v_i(t) = P[X_i(t) = 1] = E[X_i(t)]$. Перепишем уравнение (16) в новых обозначениях [8]:

$$\frac{dv_i(t)}{dt} = -\delta v_i(t) + (1 - v_i(t))\beta \sum_{j=1}^N a_{ij}v_j(t). \quad (18)$$

Уравнение (18) является основным уравнением модели NIMFA.

Глава 2. Численное моделирование

2.1 Описание эпидемической модели на структуре сети

Как и прежде, будем рассматривать эпидемический процесс на сети. Зададим неориентированный, невзвешенный граф G_N ; симметричную, бинарную матрицу смежности A , у которой $a_{ij} = 0$ для $i = j$; множество состояний для узла i : $X_i(t) \in (0, 1)$. В момент времени t узел i может находиться в одном из двух состояний, таким образом $P[X_i(t) = 0] + P[X_i(t) = 1] = 1$. Матрица интенсивностей имеет вид:

$$\tilde{Q}_i(t) = \begin{bmatrix} -E[q_{0,m}] & E[q_{0,m}] \\ q_{1,m} & -q_{1,m} \end{bmatrix},$$

где $E[q_{0,m}] = \beta \sum_{j=1}^N a_{ij} v_j(t)$, $q_{1,m} = \delta$.

Запишем систему дифференциальных уравнений для каждого узла:

$$\begin{cases} \frac{dv_1(t)}{dt} = -\delta v_1(t) + (1 - v_1(t))\beta \sum_{j=1}^N a_{ij} v_j(t) \\ \frac{dv_2(t)}{dt} = -\delta v_2(t) + (1 - v_2(t))\beta \sum_{j=1}^N a_{ij} v_j(t) \\ \vdots \\ \frac{dv_N(t)}{dt} = -\delta v_N(t) + (1 - v_N(t))\beta \sum_{j=1}^N a_{ij} v_j(t) \end{cases}$$

Для изучения поведения процесса распространения эпидемии, описываемой моделью NIMFA, будем рассматривать функцию $y(t)$ вида:

$$y(t) = \frac{\sum_{i=1}^N v_i(t)}{N} \quad (19)$$

Она описывает состояние системы — среднюю вероятность инфицирования в момент времени t в системе.

2.2 Процедура моделирования модели NIMFA

Для численного моделирования эпидемической модели NIMFA создан скрипт "SimNIMFA.m" в пакете MATLAB. В ней осуществлен поиск решения системы дифференциальных уравнений — поиск вероятностей инфицирования для каждого узла системы. На вход необходимо задать:

- Количество узлов в системе N ;
- Коэффициенты β и δ ;
- Начальный и конечный моменты времени t_0 и t_f ;
- Начальный вектор вероятности инфицирования y_0 задается случайным образом с помощью отдельной процедуры;
- Матрица смежности $MatrixA$ задается случайным образом в отдельной процедуре.

Результатом выполнения скрипта является график функции состояния системы. По оси абсцисс отложено время t , по оси ординат — функция $y(t)$.

Для проведения более глубокого анализа были написаны дополнительные процедуры, позволяющие вычислять число связей каждого узла в отдельности и в системе в целом. Также написаны отдельные процедуры для задания матрицы смежности $MatrixA$, вектора начальных вероятностей y_0 . Это сделано для того, чтобы контролировать используемые начальные данные.

Коды всех процедур, которые используются для численного моделирования задачи, поставленной в параграфе 2.1, приведены в Приложении 1.

Встроенные функции в системе MATLAB позволяют решать дифференциальные уравнения различной степени сложности. В данной программе была использована функция ODE45 [16]. Она применяется для численного интегрирования систем обыкновенных дифференциальных уравнений. В ней осуществлен метод Рунге-Кутты 4-ого и 5-ого порядка точности.

Входные параметры функции ODE45:

t_0 — начальный момент времени;

t_f — конечный момент времени;

x_0 — вектор начальных условий;

tol — задаваемая точность, по умолчанию $tol=1.e^{-6}$;

$trace$ — флаг, отвечающий за вывод промежуточных результатов, по умолчанию $trace=0$.

Выходные параметры:

t — текущее время;

X — двумерный массив.

Глава 3. Эксперименты

При помощи созданного скрипта проведены несколько серий экспериментов. Друг от друга они отличаются начальными данными, что позволило изучить модель NIMFA, проанализировать влияние отдельных факторов на состояние системы.

Как уже говорилось ранее, модель NIMFA позволяет задавать число связей для каждого узла в системе. Эта особенность модели помогает более точно описать процесс эпидемии, а также выявить зависимость состояния системы от количества связей в ней. Первая серия экспериментов проводилась с целью изучения этой зависимости.

В разработанном скрипте связи задаются с помощью матрицы смежности A . В ходе первой серии матрица смежности менялась в каждом эксперименте, а остальные параметры оставались постоянными.

Следующие серии экспериментов были нацелены на изучение влияния вероятностей инфицирования и лечения на процесс распространения эпидемии. Во второй и третьей сериях экспериментов изменялись коэффициенты β и δ , тогда как остальные параметры оставались неизменными. Напомним, что β задает вероятность инфицирования узла, а δ — вероятность лечения. Вторая и третья серии отличаются тем, что во второй отношение описанных коэффициентов $\frac{\beta}{\delta} = \sigma = 1$, а в третьей $\sigma \neq 1$.

3.1 Первая серия экспериментов

Первая серия экспериментов была посвящена изучению влияния количества связей в системе на эпидемический процесс [17]. Для этого были зафиксированы коэффициенты β и δ , вектор начальных вероятностей y_0 , а также количество узлов N . В каждом эксперименте менялась матрица A .

На рис. 7 — 16 вероятность инфицирования $\beta = 0.08$, вероятность лечения $\delta = 0.95$, в момент времени $t = 0$ в системе 25 инфицированных узлов, всего $N = 50$ узлов.

На первых двух графиках представлены эксперименты, которые достаточно сильно различаются количеством связей в системе. На рис. 7 в системе $L = 582$ связи, на рис. 8 — $L = 632$.

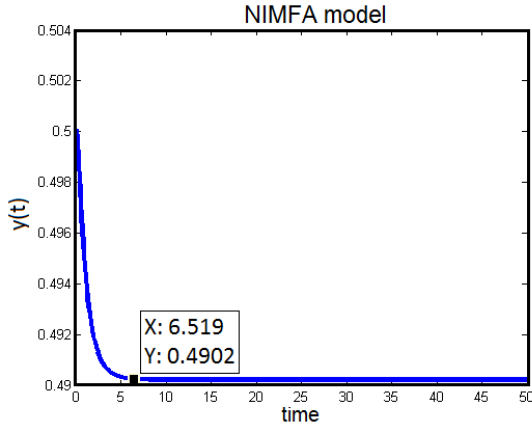


Рис. 7: $L = 582$; стационарное состояние: $x=6.519$, $y=0.4902$.

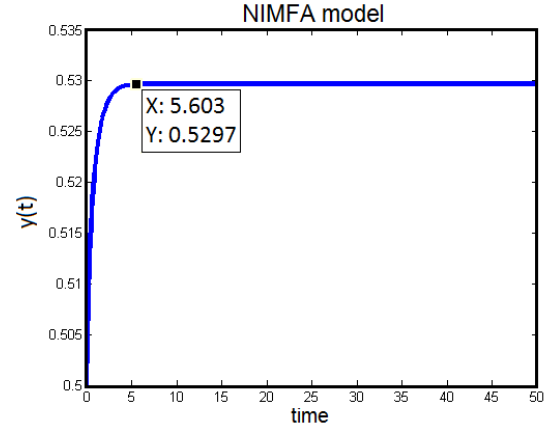


Рис. 8: $L = 632$; стационарное состояние: $x=5.603$, $y=0.5297$

Два эксперимента, изображенных на рис. 7 — 8, имеют различия только в количестве связей. График состояния системы, в которой связей на 30 штук меньше, убывает, тогда как на втором графике эпидемический процесс развивается даже при условии, что вероятность инфицирования меньше вероятности лечения почти в 12 раз.

Экспериментально было выяснено, что если в системе число связей не превышает $L = 584$, при условии, что остальные начальные данные равны значениям, заданным в начале этого параграфа и неизменны, то график функции $y(t)$ убывает. Если число связей больше значения $L = 610$, то функция $y(t)$ будет возрастающей. Графики других экспериментов приведены в Приложении 2.

При проведении этой серии экспериментов было замечено, что если в системе число связей $L \in (583, 611)$, то система ведет себя непредсказуемо в первые единицы времени. Можно видеть, что при увеличении числа связей, увеличивается значение функции $y(t)$, в котором достигается стационарное состояние. Однако, до того, как система приходит в него, могут возникнуть скачки графика функции $y(t)$.

Это происходит из-за того, что вероятность инфицирования $v_i(t)$ в уравнении модели NIMFA зависит от матрицы смежности A и вектора начальных вероятностей y_0 одновременно. Так как y_0 задается один раз и не меняется в ходе проведения этой серии экспериментов, то узлы, участвующие в начальный момент времени в распространении инфекции, не изменяются. Матрица A задается в каждом эксперименте случайным образом. Поэтому, число связей узла в одном эксперименте не будет соответство-

вать числу связей этого же узла в другом эксперименте. В данном случае рассматривается система, в которой максимально возможное число связей $L = 1225$. Поэтому в экспериментах, в которых L близко к среднему числу связей и в начальный момент времени половина узлов в системе инфицирована, может возникнуть изменение знака производной функции $y(t)$.

Например, узел i инфицирован в момент времени $t = 0$ и в первом эксперименте имеет 50 связей, а в следующем — 10, то вероятность инфицирования в начале процесса в первом случае будет выше, чем во втором, до тех пор, пока система не достигнет стационарного состояния.

На рис. 9 — 16 представлены графики состояния систем, в которых количество узлов удовлетворяет условию $L \in (584, 610)$.

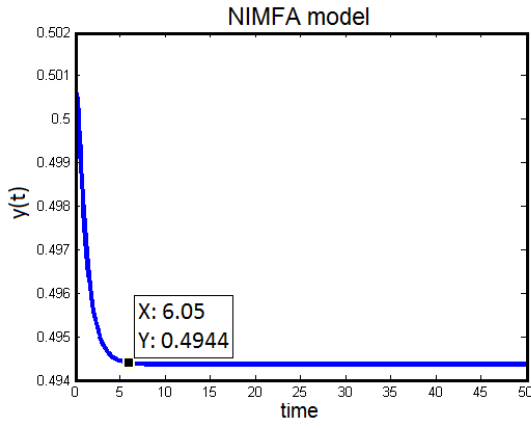


Рис. 9: $L = 587$; стационарное состояние: $x=6.05$, $y=0.4944$.

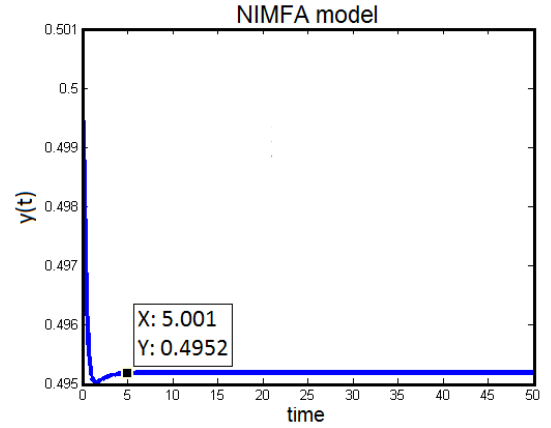


Рис. 10: $L = 588$; стационарное состояние: $x=5.001$, $y=0.4952$.

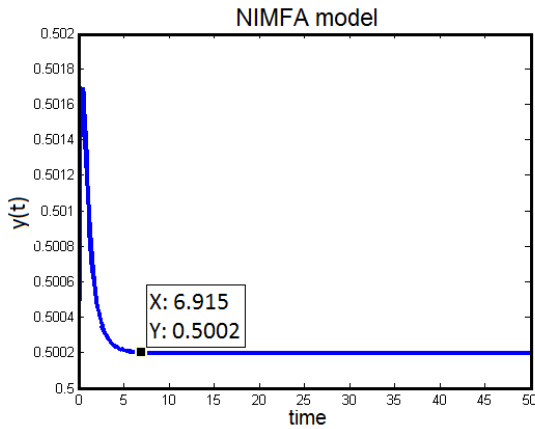


Рис. 11: $L = 594$; стационарное состояние: $x=6.915$, $y=0.5002$.

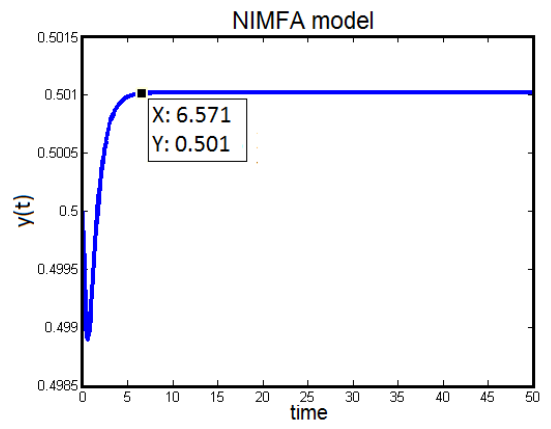


Рис. 12: $L = 595$; стационарное состояние: $x=6.571$, $y=0.501$.

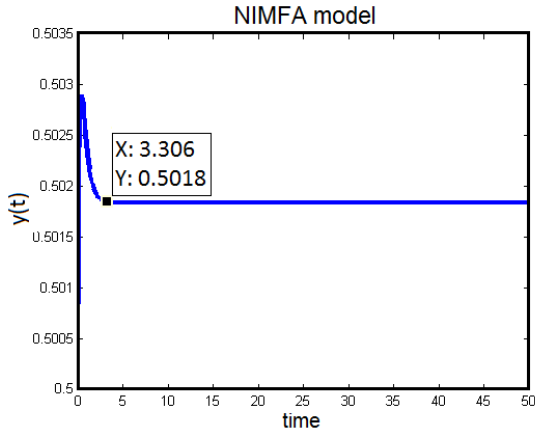


Рис. 13: $L = 596$; стационарное состояние: $x=3.306$, $y=0.5018$.

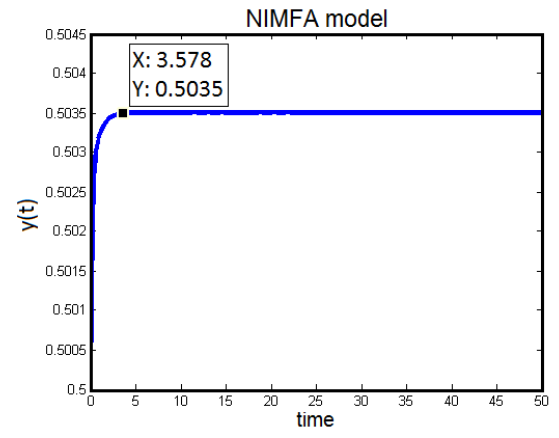


Рис. 14: $L = 598$; стационарное состояние: $x=3.578$, $y=0.5035$.

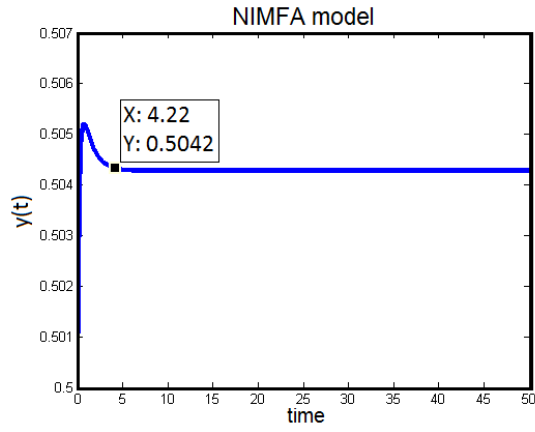


Рис. 15: $L = 599$; стационарное состояние: $x=4.22$, $y=0.5042$.

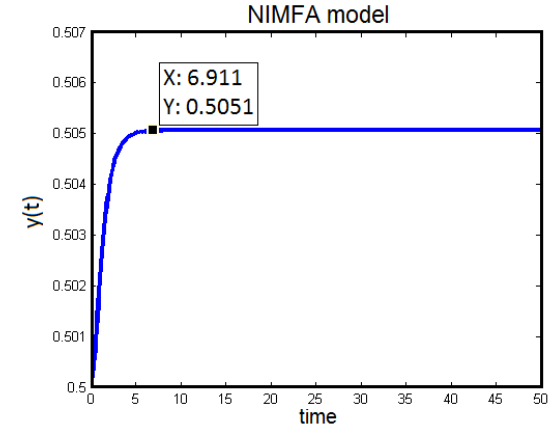


Рис. 16: $L = 600$; стационарное состояние: $x=6.911$, $y=0.5051$.

Если внести изменения в процедуру задания матрицы смежности и определить ее, как полный граф, то в системе из 50 узлов будет 1225 связей. При тех же начальных данных, которые были определены выше, система достигнет максимального стационарного состояния. Этот эксперимент представлен на рис. 17.

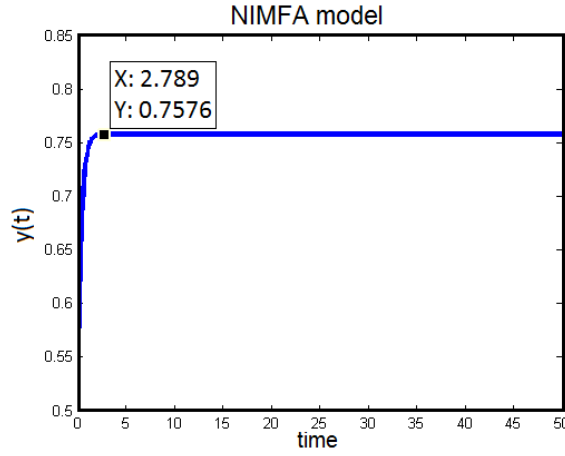


Рис. 17: $L = 1225$; стационарное состояние: $x=2.789$, $y=0.7576$.

3.2 Вторая серия экспериментов

Следующие эксперименты проводились для того, чтобы выявить зависимость состояния системы от коэффициентов β и δ . Для этого необходимо зафиксировать начальные данные, за исключением значений коэффициентов.

Для более точного анализа эксперименты были разделены на две серии. Во вторую серию вошли эксперименты, у которых вероятности инфицирования и лечения были равны и их отношение задавалось значением $\sigma = 1$. В третьей серии значение $\sigma \neq 1$.

Рассмотрим вторую серию экспериментов. В системе содержится $N = 50$ узлов, из которых 25 являются инфицированными случайным образом в момент времени $t = 0$. Матрица смежности A задана произвольно и зафиксирована. Эксперименты этой серии представлены на рис. 18 — 25.

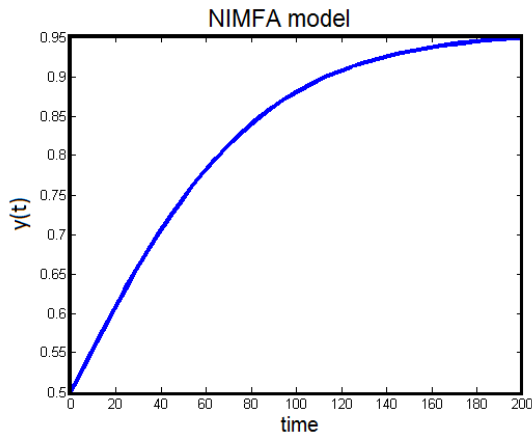


Рис. 18: $\beta = \delta = 0.001$.

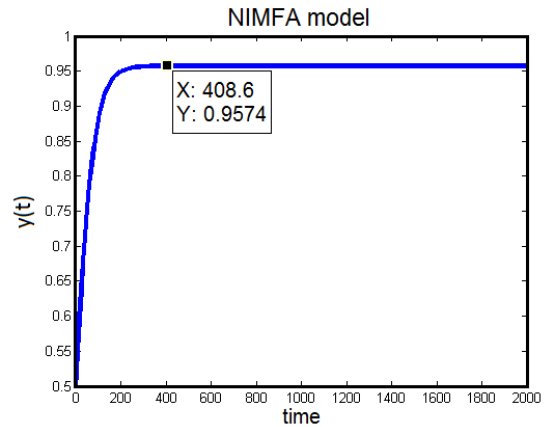


Рис. 19: $\beta = \delta = 0.001$; стационарное состояние: $x=408.6$, $y=0.9574$.

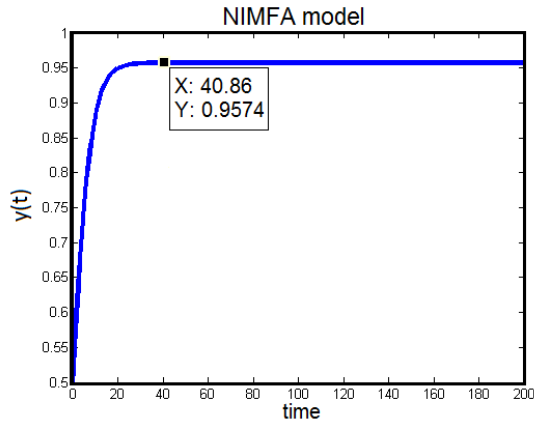


Рис. 20: $\beta = \delta = 0.01$; стационарное состояние: $x=40.86$, $y=0.9574$.

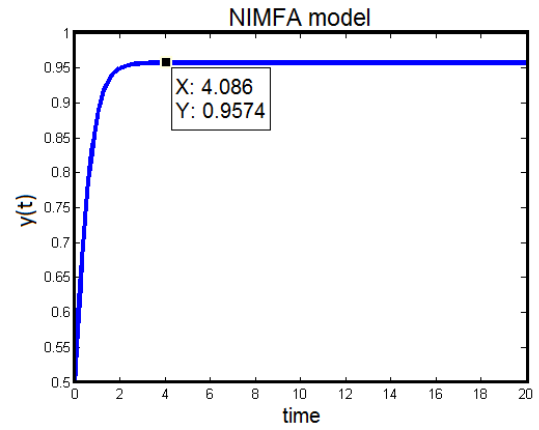


Рис. 21: $\beta = \delta = 0.1$; стационарное состояние: $x=4.086$, $y=0.9574$.

Первые четыре эксперимента из этой серии проводились с тем условием, чтобы исследуемые коэффициенты различались в каждом эксперименте друг от друга в 10 раз. На рис. 18 — 21 представлены эти эксперименты.

Можно видеть, что на рис. 18 — 19 коэффициенты равны $\beta = \delta = 0.001$, на следующем рис. 20 они больше предыдущих в 10 раз и на рис. 21 $\beta = \delta = 0.1$. Для каждого эксперимента на графике указаны точки достижения стационарного состояния.

Можно видеть, что величина коэффициентов не повлияла на значение функции состояния системы, в которой достигается стационарное состояние. Однако, β и δ оказывают влияние на время достижения этого состояния. Так, на рис. 18 приведен эксперимент, для которого конечный момент времени $tf = 200$. За это время система не достигает стационарного состояния $y(t) = 0.9574$. Тогда в следующем эксперименте (см. рис. 19) был увеличен конечный момент времени, и стационарное состояние было достигнуто при $t = 408.6$.

Сравнивая точки стационарных состояний на трех графиках можно сделать вывод, что время достижения стационарного состояния изменяется обратно пропорционально коэффициентам β и δ .

На рис. 22 — 25 представлены еще несколько экспериментов из этой серии. На графиках отмечены точки, в которых система достигает стационарного состояния.

Коэффициенты на рис. 22 — 23 отличаются в два раза, на рис. 24 — 25 отличаются в 1.28 раза. Отсюда, время достижения стационарного состояния отличается в два и 1.28 раза соответственно. Значения состояния системы $y(t)$ в точках достижения стационарного состояния остаются неизменными во всех экспериментах этой серии.

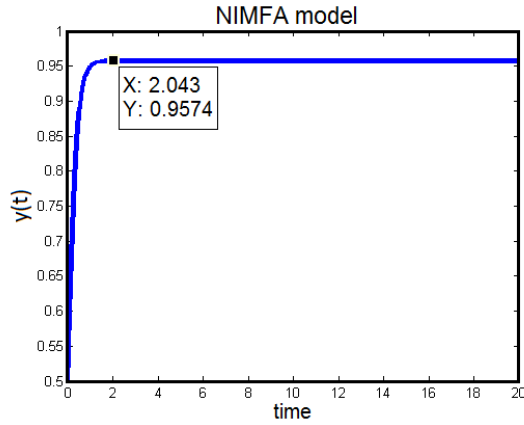


Рис. 22: $\beta = \delta = 0.2$; стационарное состояние: $x=2.043$, $y=0.9574$.

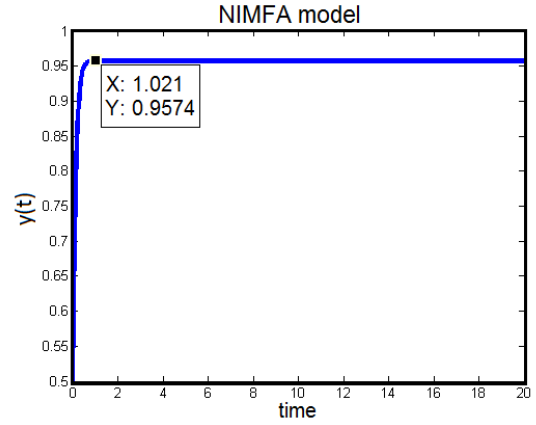


Рис. 23: $\beta = \delta = 0.4$; стационарное состояние: $x=1.021$, $y=0.9574$.

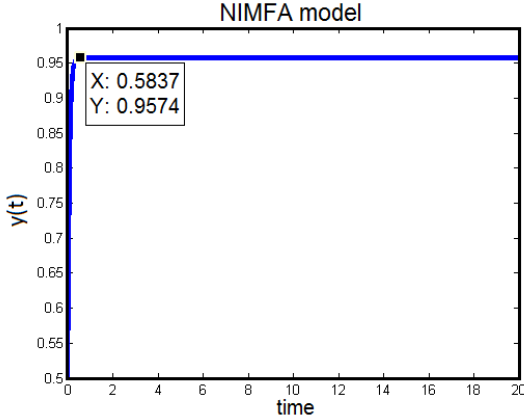


Рис. 24: $\beta = \delta = 0.7$; стационарное состояние: $x=0.5837$, $y=0.9574$.

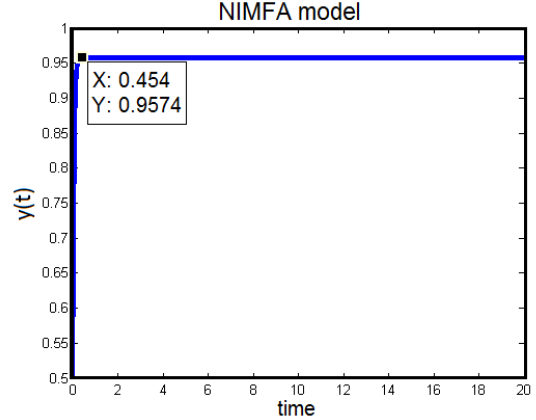


Рис. 25: $\beta = \delta = 0.9$; стационарное состояние: $x=0.454$, $y=0.9574$.

3.1 Третья серия экспериментов

В третьей серии эксперименты проводились с фиксированным числом узлов в системе, постоянной матрицей смежности A и вектором начальных вероятностей инфицирования. Отличие состоит в том, что $\sigma \neq 1$.

В экспериментах этой серии воздействие на процесс эпидемии осу-

ществляется только с помощью изменения значений вероятностей инфицирования и лечения, то есть коэффициентов β и δ соответственно.

В первых экспериментах вероятность инфицирования была меньше вероятности лечения, но эпидемический процесс все равно развивается. Однако, если повысить вероятность лечения, то система достигнет меньшего стационарного состояния. Это можно наблюдать на рис. 26 — 27.

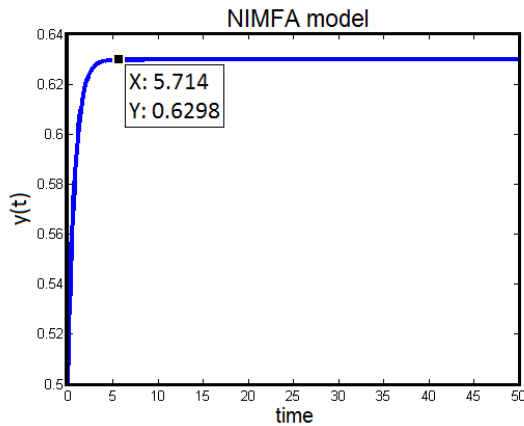


Рис. 26: $\beta = 0.09$, $\delta = 0.8$; стационарное состояние: $x=5.714$, $y=0.6298$.

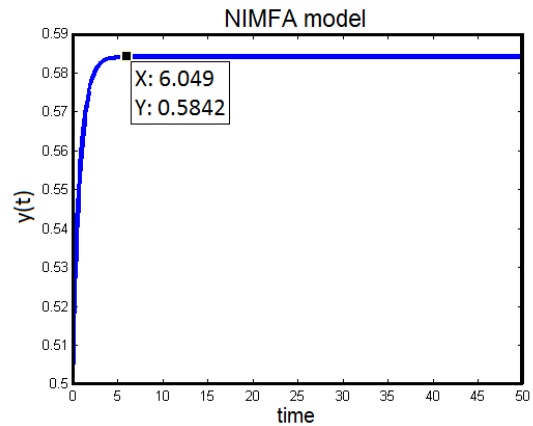


Рис. 27: $\beta = 0.09$, $\delta = 0.9$; стационарное состояние: $x=6.049$, $y=0.5842$.

Далее рассмотрим случай, когда при уменьшении вероятности инфицирования, значения графика функции состояния системы уменьшаются (рис. 28 — 29). На рис. 28: $\delta = 0.9$, $\beta = 0.08$. Процесс эпидемии развивается, как и на предыдущих двух графиках. В эксперименте на рис. 29, коэффициент β уменьшился на 0.01, и это повлияло на состояние системы — график функции убывает.

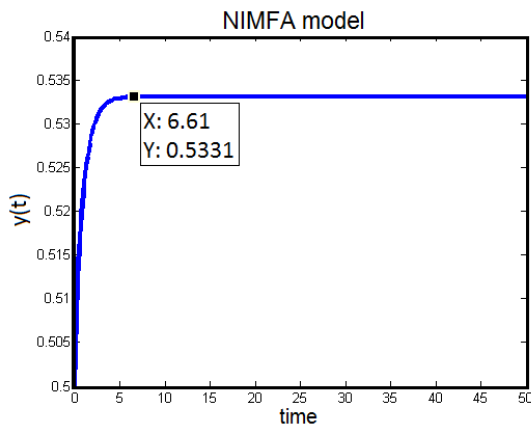


Рис. 28: $\beta = 0.08$, $\delta = 0.9$; стационарное состояние: $x=6.61$, $y=0.5331$.

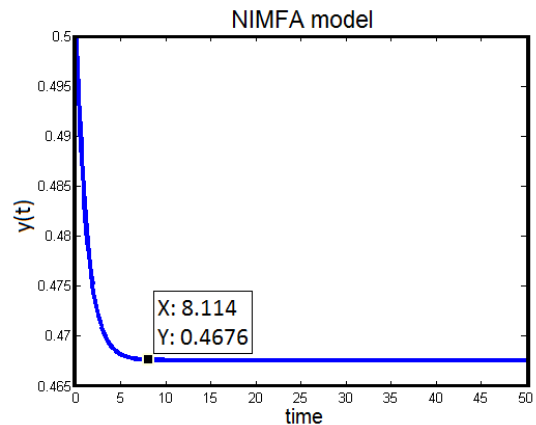


Рис. 29: $\beta = 0.07$, $\delta = 0.9$; стационарное состояние: $x=8.114$, $y=0.4676$.

Рассмотрим еще несколько экспериментов, изображенных на рис. 30 — 33. Зададим вероятность δ меньше, чем в предыдущих экспериментах — $\delta = 0.7$. Поэтому для того, чтобы вероятность инфицирования для каждого узла, а значит и для всей системы, уменьшалась, необходимо задать коэффициент β , также меньший.

На рис.30 и рис.31 вспышки эпидемии не возникает. Но если увеличивать коэффициент инфицирования, то при $\beta = 0.6$ эпидемический процесс будет развиваться (см. рис. 32 — 33).

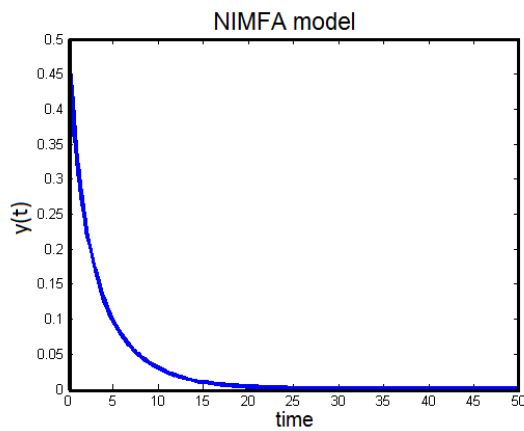


Рис. 30: $\beta = 0.02$, $\delta = 0.7$.

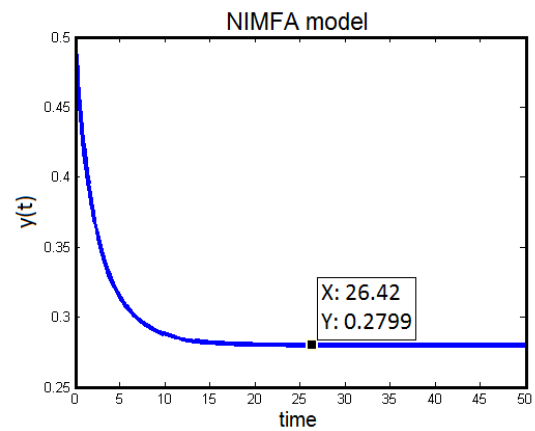


Рис. 31: $\beta = 0.04$, $\delta = 0.7$; стационарное состояние: $x=26.42$, $y=0.2799$

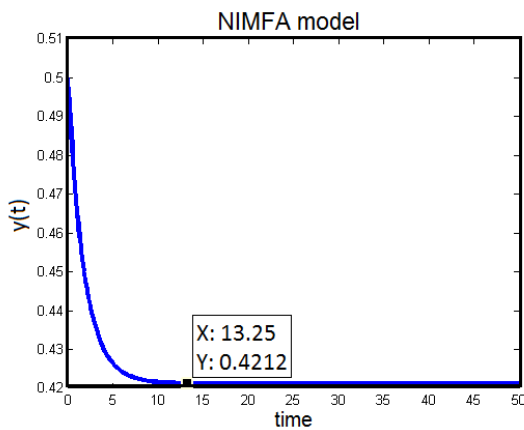


Рис. 32: $\beta = 0.05$, $\delta = 0.7$; стационарное состояние: $x=13.25$, $y=0.4212$.

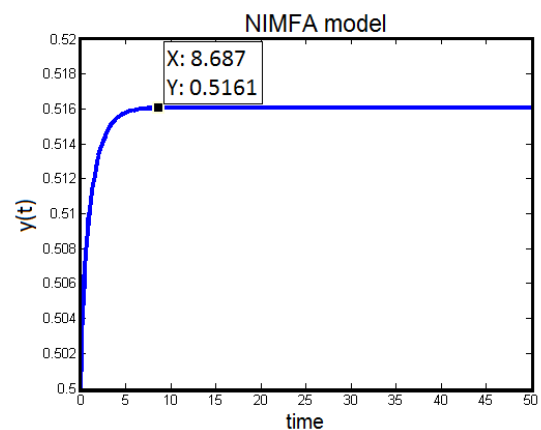


Рис. 33: $\beta = 0.06$, $\delta = 0.7$; стационарное состояние: $x=8.687$, $y=0.5161$.

Заключение

В данной выпускной квалификационной работе описаны классические модели распространения эпидемий и их модификации. В частности, внимание было уделено точной модели SIS и ее аппроксимирующей модели NIMFA, которые позволяют моделировать эпидемии, учитывая структуру сети. Это свойство играет важную роль в изучении процессов распространения инфекционных заболеваний, так как позволяет анализировать процесс для каждого индивида в рассматриваемой популяции.

Для изучения модели NIMFA был создан скрипт. С помощью него были проведены несколько серий экспериментов, которые позволили изучить зависимость состояния системы от значений начальных данных.

Созданный скрипт "SimNIMFA.m" вместе со вспомогательными процедурами образуют инструмент для изучения процессов не только в эпидемиологии, но и в других сферах жизни человека. В дальнейшем предполагается с помощью численного моделирования провести исследование процесса распространения эпидемии для каждого узла в отдельности. Применить теорию марковских процессов для других классических моделей, например SIR, и для них создать программу для моделирования экспериментов.

Список литературы

- [1] Gubar E., Zhu Q. Optimal control of influenza epidemic model with virus mutations //Control Conference (ECC), 2013 European. IEEE, 2013. P. 3125–3130.
- [2] Kermack W. O., McKendrick A. G. A Contribution to the mathematical theory of epidemics // Proceedings of the Royal Society, 1927. №115. P.700–721.
- [3] Kephart J. O., White S. R. Directed-graph epidemiological models of computer viruses //Research in Security and Privacy: Proceedings 1991 IEEE Computer Society Symposium. IEEE, 1991. P. 343–359.
- [4] Kephart J. O., White S. R. Measuring and modeling computer virus prevalence //Research in Security and Privacy: Proceedings 1993 IEEE Computer Society Symposium. IEEE, 1993. P. 2–15.
- [5] Kephart J. O., White S. R., Chess D. M. Computers and epidemiology // IEEE Spectrum. 1993. Vol. 30, No. 5. P. 20–26.
- [6] Goffman W. , Newill V. A. Generalisation of epidemic theory, an application to the transmission of ideas // Nature. 1964. № 4955. P. 225–228.
- [7] Hill A. L., Rand D. G., Nowak M. A., Christakis N. A. Emotions as infectious diseases in a large social network: the SISa model //Proceedings of the Royal Society, 2010. Vol. 277, No. 1701. P. 3827–3837.
- [8] Mieghem P. V., Omic J., Kooij R. Virus spread in Networks // IEEE/ACM Transactions on Networking. 2009. Vol. 17, No. 1. P. 1–14.
- [9] Hayel Ye., Trajanovski S., Altman E., Wang H., Mieghem P. V. Complete game-theoretic characterization of SIS epidemics protection strategies // Decision and Control (CDC), IEEE 53rd Annual Conference. IEEE, 2014. P. 1179–1184.
- [10] Mieghem P. V. Exact Markovian SIR and SIS epidemics on networks and an upper bound for the epidemic threshold //Decision and Control (CDC), IEEE 53rd Annual Conference. IEEE, 2014. P. 1179–1184.
- [11] Mieghem P. V. Performance Analysis of Communications Networks and Systems. Cambridge University Press, 2006. 543 P.

- [12] Nowzari C., Preciado V. M., Pappas G. J. Analysis and control of epidemics //IEEE Control Systems. 2016. Vol. 36, No. 1. P. 26–46.
- [13] Вентцель Е. С. Исследование операций: задачи, принципы, методология. М.: Наука, 1988. 208 с.
- [14] Pastor-Satorras R., Mieghem P. V., Castellano C., Vespignani A. Epidemic processes in complex networks //Reviews of modern physics. 2015. Vol. 87, No. 3. P. 925.
- [15] Mieghem P. V. The N-interwined SIS epidemic network model // Computing. 2011. Vol. 93, No. 2. P. 147–169.
- [16] MATLAB Documentation.
<https://uk.mathworks.com/help/matlab/ref/ode45.html>
- [17] Губар Е. А., Сковородина Т. В., Моделирование эпидемического процесса с использованием модели NIMFA //Процессы управления и устойчивость. 2017.(принята в печать).

Приложения

Приложение 1. Код скрипта и процедур для численного моделирования

SimNIMFA.m — основной скрипт для численного моделирования процесса эпидемии, базирующегося на модели NIMFA.

```
clear ;
t0 = 0;
tf =20;
sv0=0;

global N;
global SMatrixA
global SV

N=50;
SMatrixA=MatrixA(N);
SV = y0(N);

[t y ] = ode45('NIMFA',[t0 tf],SV);
schLinks=schLinks(N);

ys=sum(y,2);
ys=ys/N;
sv0=sum(SV);
sch=sum(sum(SMatrixA))/2;

disp(SMatrixA);
disp(sch);
disp(schLinks);
disp(sv0);

plot(t,ys,'LineWidth',3)
```

```

title ( 'NIMFA model ' )
xlabel ( 'time ' )
ylabel ( 'y(t) ' )

```

Процедура, в которой осуществляется поиск решения системы дифференциальных уравнений модели NIMFA — yNIMFA.m.

```

function yNIMFA = NIMFA(t,y)

global SMatrixA;
global N;

del = 0.001;
bet = 0.001;

prom=0;
a = SMatrixA;

for i=1:N
    for j=1:N
        prom = prom + a(i,j)*y(j);
    end
    yp(i)=-del*y(i)+bet*(1-y(i))*prom;
    prom = 0;

end

yNIMFA = yp';
end

```

schLinks.m — вспомогательная процедура, в которой выходными данными является массив schLinks. Элементы этого массива соответствуют количеству связей для каждого узла в системе.

```

function schLinks =schLinks(n)

global SMatrixA
Matrix_links(n)=0;

```

```

for m=1:n
    for l=1:n

        if SMatrixA(m, l)==1
            Matrix_links(m)=Matrix_links(m)+1;
        end
    end
end
schLinks=Matrix_links;
end

```

MatrixA.m — вспомогательная процедура, созданная для задания матрицы смежности A . Матрица A задается случайным образом с помощью функции `randint`. Однако, в этой процедуре прописаны дополнительные условия, которым должна соответствовать матрица смежности.

```

function MatrixA = MatrixA(n)

```

```

a(n, n)=0;
for m=1:n
    for t=1:n
        if m==t
            a(m, t)=0;
        end
        if m<t
            a(m, t)=randint;
        end
        if m>t
            a(m, t)=a(t, m);
        end
    end
end
MatrixA=a;

end

```


`y0.m` — вспомогательная функция, в которой задается случайным образом вектор начальных вероятностей инфицирования для каждого узла в системе.

```
function y0= y0( n)
vek(1,n)=0;
sch=0;
vek=randint(1,n)';

y0=vek';

end
```

Приложение 2. Некоторые эксперименты первой серии

На рис. 34 —37 представлены дополнительно несколько экспериментов из первой серии, в которых $L \in (583, 610)$.

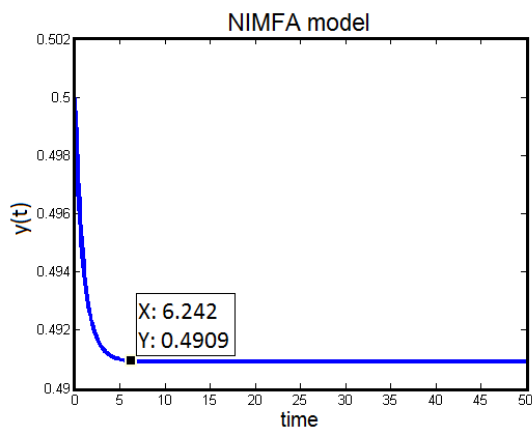


Рис. 34: $L = 583$; стационарное состояние: $x=6.242$, $y=0.4909$.

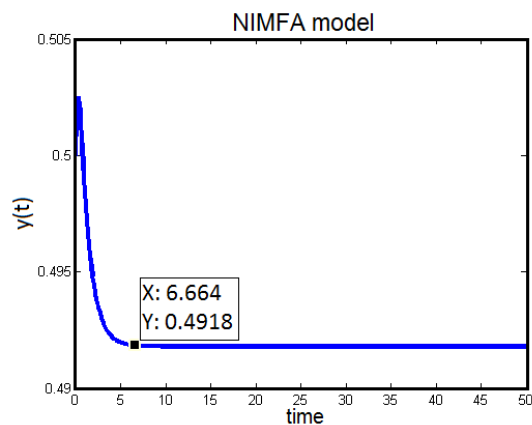


Рис. 35: $L = 584$; стационарное состояние: $x=6.664$, $y=0.4918$.

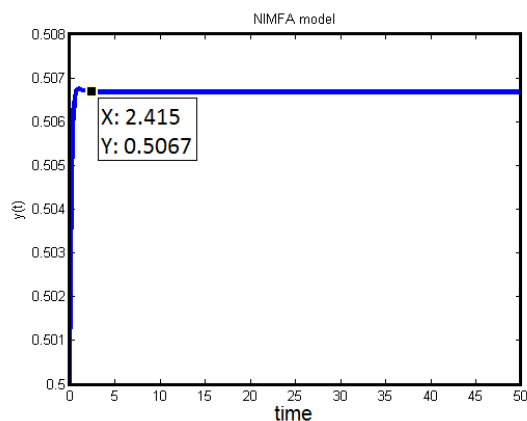


Рис. 36: $L = 602$; стационарное состояние: $x=4.612$, $y=0.5068$.

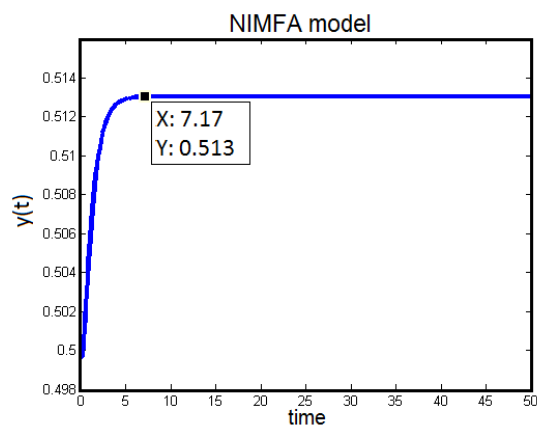


Рис. 37: $L = 610$; стационарное состояние: $x=7.17$, $y=0.513$